

Fig 1 : Alignment of the BASB113 polynucleotide sequences.

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

```

                *           20           *
Seqid1 : ATGAAAATTAAAGCATTGGGTGTTGTGCTG : 30
Seqid3 : ..... : 30

                40           *           60
Seqid1 : TTGGCATCAAGTATGGCTTTGGCAGGTTGT : 60
Seqid3 : ..... : 60

                *           80           *
Seqid1 : GCAAATACAGGCACAACTGGCAATGGCACA : 90
Seqid3 : ..... : 90

                100           *           120
Seqid1 : GGATTTGGTGGTGCTAATGTCAATAAGGCG : 120
Seqid3 : ..... : 120

                *           140           *
Seqid1 : GTGATTGGGGCTGTGGCAGGTGCACTTGGC : 150
Seqid3 : ..... : 150

                160           *           180
Seqid1 : GGTACTGCCATTTCAAAAGCAACTGGTGGC : 180
Seqid3 : ..... : 180

                *           200           *

```

10018561.040503

Seqid1 : GAAAAAACAGGTCGTGATGCCATTTTGGGG : 210
Seqid3 : : 210

220 * 240
Seqid1 : GCGGCAGTTGGTGCAGCAGCAGGGGCGTAT : 240
Seqid3 : : 240

* 260 *
Seqid1 : ATGGAGCGTCAAGCAAAGCAGATTGAGCAA : 270
Seqid3 : : 270

280 * 300
Seqid1 : CAAATGCAAGGAACGGGCGTGACTGTAACC : 300
Seqid3 : : 300

* 320 *
Seqid1 : CACGATACCGACACGGGTAATATTAATCTA : 330
Seqid3 : : 330

340 * 360
Seqid1 : ACTATGCCAGGTAATATTACTTTTGCTCAT : 360
Seqid3 : : 360

* 380 *
Seqid1 : GATGACGATACTTTAAACAGTGCATTTTGTG : 390
Seqid3 : : 390

10018561.040502

400 * 420
Seqid1 : GGTCGTTTAAACCAGCTGGCTAATACGATG : 420
Seqid3 : : 420

* 440 *
Seqid1 : AATCAGTATCATGAAACAACGATTGTCATT : 450
Seqid3 : : 450

460 * 480
Seqid1 : GTAGGACATACAGACTCAACGGGTCAAGCG : 480
Seqid3 : : 480

* 500 *
Seqid1 : GCTTATAATCAAGAGCTGTCTGAGCGTCGA : 510
Seqid3 : : 510

520 * 540
Seqid1 : GCGGATTCAGTGCGTTATTACTTGATTAAT : 540
Seqid3 : : 540

* 560 *
Seqid1 : CAAGGCGTTGATCCATATCGTATTCAGACA : 570
Seqid3 : : 570

580 * 600
Seqid1 : GTGGGGTATGGTATGCGACAACCGATTGCA : 600
Seqid3 : : 600

205040-1953700F

* 620 *

Seqid1 : TCGAATGCAACCGAAGCAGGTCGTGCTCAA : 630

Seqid3 : : 630

640 * 660

Seqid1 : AATCGCCGTGTTGAGCTGATGATTTTAGCA : 660

Seqid3 : : 660

*

Seqid1 : CCGCAGGGTATGTAA : 675

Seqid3 : --- : 672

205040 T958T00T

Fig 2 : Alignment of the BASB113 polypeptide sequences.**Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

	*	20	*	
Seqid2	:	MKIKALGVVLLASSMALAGCANTGTTGNGT	:	30
Seqid4	:	:	30
	40	*	60	
Seqid2	:	GFGGANVNVKAVIGAVAGALGGTAISKATGG	:	60
Seqid4	:	:	60
	*	80	*	
Seqid2	:	EKTGRDAILGAAVGAAAGAYMERQAKQIEQ	:	90
Seqid4	:	:	90
	100	*	120	
Seqid2	:	QMQGTGVTVTHTDTGNINLTMPGNITFAH	:	120
Seqid4	:	:	120
	*	140	*	
Seqid2	:	DDDTLNSAFLGRLNQLANTMNQYHETTIVI	:	150
Seqid4	:	:	150
	160	*	180	
Seqid2	:	VGHTDSTGQAAYNQELSERRADSVRYYLIN	:	180
Seqid4	:	:	180

10018561-040502

*

200

*

Seqid2 : QGVDPYRIQTVGYGMRQPIASNATEAGRAQ : 210

Seqid4 : : 210

220

Seqid2 : NRRVELMILAPQGM : 224

Seqid4 : : 224

205010 T958F001

Fig 3-A : Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB113

Fig 3-B: Western-blotting of purified BASB113 (anti-His antibody).

